

REC'D 24 JAN 2003
PCT



별첨 사본은 아래 출원의 원본과 동일함을 증명함.

This is to certify that the following application annexed hereto is a true copy from the records of the Korean Intellectual Property Office.

출원 번호 : 10-2002-0019028
Application Number PATENT-2002-0019028

출원 년 월 일 : 2002년 04월 08일
Date of Application APR 08, 2002

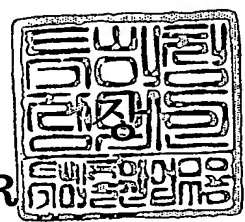
출원인 : 주식회사 바이오인프라
Applicant(s) BIOLNFRA INC.



2002 년 12 월 24 일

특 허 청

COMMISSIONER



【서지사항】

【서류명】	명세서 등 보정서
【수신처】	특허청장
【제출일자】	2002.04.09
【제출인】	
【명칭】	(주)바이오인프라
【출원인코드】	1-2001-038518-0
【사건과의 관계】	출원인
【대리인】	
【성명】	이경란
【대리인코드】	9-1998-000651-6
【포괄위임등록번호】	2002-026460-8
【대리인】	
【성명】	최이욱
【대리인코드】	9-1999-000526-2
【포괄위임등록번호】	2002-026461-5
【사건의 표시】	
【출원번호】	10-2002-0019028
【출원일자】	2002.04.08
【발명의 명칭】	프로테옴 이미지패턴의 진화적 분류 과정 및 퍼지 를 기반 분 류 과정의 적용에 의한 질환 확인 방법
【제출원인】	
【접수번호】	1-1-02-0104549-10
【접수일자】	2002.04.08
【보정할 서류】	명세서등
【보정할 사항】	
【보정대상항목】	별지와 같음
【보정방법】	별지와 같음
【보정내용】	별지와 같음
【취지】	특허법시행규칙 제13조·실용신안법시행규칙 제8조의 규정 에의하여 위와 같 이 제출합니다. 대리인 이경란 (인) 대리인 최이욱 (인)

1020020019028

출력 일자: 2002/12/26

【수수료】

【보정료】 0 원

【추가심사청구료】 0 원

【기타 수수료】 0 원

【합계】 0 원

【보정대상항목】 발명(고안)의 명칭

【보정방법】 정정

【보정내용】

프로테옴 이미지패턴의 진화적 분류 과정 및 퍼지 룰 기반 분류 과정의 적용에 의한
질환 확인 방법{Method for identifying disease by applying evolutionary classification
process and fuzzy rule-based classification process of proteom image pattern}

【서지사항】

【서류명】	특허출원서
【권리구분】	특허
【수신처】	특허청장
【제출일자】	2002.04.08
【발명의 명칭】	진화적 분류 과정 및 퍼지 룰 기반 분류 과정의 적용에 의한 질환 확인 방법
【발명의 영문명칭】	Method for identifying disease by applying evolutionary classification process and fuzzy rule-based classification process
【출원인】	
【명칭】	(주)바이오인프라
【출원인코드】	1-2001-038518-0
【대리인】	
【성명】	이경란
【대리인코드】	9-1998-000651-6
【포괄위임등록번호】	2002-026460-8
【대리인】	
【성명】	최이욱
【대리인코드】	9-1999-000526-2
【포괄위임등록번호】	2002-026461-5
【발명자】	
【성명】	박영미
【출원인코드】	4-2000-042370-8
【발명자】	
【성명의 국문표기】	김철우
【성명의 영문표기】	KIM, Chul Woo
【주민등록번호】	520215-1063227
【우편번호】	471-080
【주소】	경기도 구리시 갈매동 산2-120
【국적】	KR
【발명자】	
【성명의 국문표기】	한미영
【성명의 영문표기】	HAN, Mi Young

【주민등록번호】	560703-2055418
【우편번호】	305-333
【주소】	대전광역시 유성구 어은동 한빛아파트 135-202
【국적】	KR
【발명자】	
【성명의 국문표기】	박종서
【성명의 영문표기】	PARK, Jong Sou
【주민등록번호】	600902-1074416
【우편번호】	412-270
【주소】	경기도 고양시 덕양구 화정동 948번지 별빛마을 919-202호
【국적】	KR
【발명자】	
【성명의 국문표기】	지승도
【성명의 영문표기】	CHI, Sung-Do
【주민등록번호】	590219-1011810
【우편번호】	411-313
【주소】	경기도 고양시 일산구 일산3동 1101 후곡마을 1403-1604
【국적】	KR
【발명자】	
【성명의 국문표기】	온승엽
【성명의 영문표기】	OHN, Syng-Yup
【주민등록번호】	620320-1480213
【우편번호】	140-751
【주소】	서울특별시 용산구 서빙고동 신동아아파트 6-1109
【국적】	KR
【발명자】	
【성명의 국문표기】	황수찬
【성명의 영문표기】	HWANG, Soo-Chan
【주민등록번호】	610119-1030028
【우편번호】	411-370
【주소】	경기도 고양시 일산구 주엽동 50 강선마을 601-803
【국적】	KR

【취지】

특허법 제42조의 규정에 의하여 위와 같이 출원합니다. 대
리인 이경
란 (인) 대리인
최이욱 (인)

【수수료】

【기본출원료】	20 면	29,000 원
【가산출원료】	0 면	0 원
【우선권주장료】	0 건	0 원
【심사청구료】	0 항	0 원
【합계】	29,000 원	
【감면사유】	소기업 (70%감면)	
【감면후 수수료】	8,700 원	

【첨부서류】

1. 요약서·명세서(도면)_1통 2. 소기업임을 증명하는 서류_1
통

【요약서】**【요약】**

본 발명은 진화적 분류 과정 및 퍼지 룰 기반 분류 과정의 적용에 의한 질환 확인 방법에 관한 것이다. 상기 방법은 적어도 하나의 정상자 샘플 및 적어도 하나의 질환자 샘플을 입력받는 단계, 상기 적어도 하나의 정상자 샘플 및 적어도 하나의 질환자 샘플을 전처리(pre-processing)하는 단계-여기서, 적어도 하나의 특성 데이터가 생성됨- 및 진화적 분류 과정의 수행을 통하여 상기 적어도 하나의 특성 데이터를 바탕으로 적어도 하나의 판단 패턴을 추출하는 단계를 포함하되, 상기 판단 패턴은 적어도 하나의 특징 및 상기 특징에 상응하는 적어도 하나의 판단 함수(decision function)를 포함하며, 상기 적어도 하나의 특징은 유전 알고리즘을 이용하여 상기 특성 데이터를 바탕으로 추출되며, 상기 적어도 하나의 판단 함수는 서포트 벡터 머신(support vector machine, SVM)을 이용하여 상기 적어도 하나의 특징을 바탕으로 생성되며, 상기 판단 패턴을 이용하여 피검자의 질환 여부를 판단할 수 있다.

【대표도】

도 7

【색인어】

진화적 분류, 유전 알고리즘, 퍼지, 혈청, 단백질

【명세서】**【발명의 명칭】**

진화적 분류 과정 및 퍼지 룰 기반 분류 과정의 적용에 의한 질환 확인 방법(Method for identifying disease by applying evolutionary classification process and fuzzy rule-based classification process)

【도면의 간단한 설명】

도 1은 본 발명의 바람직한 일 실시예에 따른 트레이닝 과정을 개략적으로 나타낸 도면.

도 2는 본 발명의 바람직한 일 실시예에 따른 전처리 과정을 개략적으로 나타낸 도면.

도 3은 본 발명의 바람직한 일 실시예에 따른 진화적 분류 과정을 개략적으로 나타낸 도면.

도 4는 본 발명의 바람직한 일 실시예에 따른 퍼지 룰 기반 분류 과정을 개략적으로 나타낸 도면.

도 5는 본 발명의 바람직한 일 실시예에 따른 테스트 과정을 개략적으로 나타낸 도면.

도 6은 본 발명의 바람직한 일 실시예에 따른 질환 여부 판단 과정을 개략적으로 나타낸 도면.

도 7은 본 발명의 바람직한 일 실시예에 따른 진화적 분류 과정 및 퍼지 를 기반 분류 과정의 적용에 의한 질환 확인 과정을 개략적으로 나타낸 도면.

<도면의 주요 부분에 대한 부호의 설명>

101...전처리 과정

103...진화적 분류 과정

105...퍼지 를 기반 분류 과정

【발명의 상세한 설명】

【발명의 목적】

【발명이 속하는 기술분야 및 그 분야의 종래기술】

- <11> 본 발명은 진화적 분류 과정 및 퍼지 를 기반 분류 과정의 적용에 의한 질환 확인 방법에 관한 것이다.
- <12> 암과 같은 질병을 조기에 발견하게 되면, 그 치료율이 매우 높아짐은 주지의 사실이다. 즉, 초기 단계의 암과 같은 질병을 발견함으로써, 환자는 용이하게 치료가 되거나 완치될 확률이 높아진다.
- <13> 질병을 조기에 발견하기 위하여 시료로서 눈물, 뇨, 타액 등이 사용되고 있으나, 최근에는 혈청 단백질이 많이 사용되고 있다. 혈청 단백질은 피검자로부터 간단히 채취될 수 있을 뿐만 아니라, 타 시료의 채취 방법에 비하여 안전하다. 특히, 혈청 단백질은 질병 여부의 판단에 있어서 다른 시료에 비하여 정밀한 결과를 도출할 수 있으므로 폭 넓게 사용되고 있다.

<14> 암환자와 정상인의 혈청 단백질의 성분을 분석하면, 그 성분이 상이할 것으로 예상된다. 그러나, 현재까지 어떠한 성분이 어떻게, 얼마나 다른지에 대하여 알려져 있지 않다. 2001년에 인간 유전자 지도가 완성이 되었으며, 이로 미루어 인간 전체의 유전자 총수는 몇 만 정도 밖에 되지 않을 것으로 추측되고 있다. 그러나, 유전자에 담긴 정보에 의하여 생성되는 모든 단백질과, 유전자와의 상관 관계에 대한 정보는 아직까지 정확히 알려져 있지 않다. 암과 같은 질병에 있어서, 특정 유전자에 특이한 변이가 발생하며, 유전자 변이에 의한 단백질, 특히 혈청 단백질 성분이 변하게 된다. 이러한 혈청 단백질 성분의 변화를 감지함으로써 암과 같은 질병을 조기에 발견할 수 있는 방법은 전무한 실정이다.

<15> 이러한 이유로, 암과 같은 질병을 조기에 발견하기 위하여 혈청 단백질의 성분의 변화를 분석할 수 있는 체계적이고 효과적인 방법이 절실히 요구되고 있다.

【발명이 이루고자 하는 기술적 과제】

<16> 본 발명은 상술한 문제점을 해결하기 위하여 안출된 것으로, 진화적 분류 방법을 이용하여 암과 같은 질병을 조기에 발견할 수 있는 진화적 분류 과정 및 퍼지 를 기반 분류 과정의 적용에 의한 질환 확인 방법을 제공하는 데 목적이 있다.

<17> 또한, 본 발명의 목적은 유전 알고리즘 수행의 결과로 얻어지는 중요 특징들을 서포트 벡터 머신을 이용하여 분류할 수 있는 진화적 분류 과정 및 퍼지 를 기반 분류 과정의 적용에 의한 질환 확인 방법을 제공하는 데 있다.

<18> 또한, 본 발명의 목적은 퍼지 룰 기반 분류 방법을 이용하여 진화적 분류 방법에 보완적이면서, 세밀한 분류 결과를 제공할 수 있는 진화적 분류 과정 및 퍼지 룰 기반 분류 과정의 적용에 의한 질환 확인 방법을 제공하는 데 있다.

【발명의 구성 및 작용】

<19> 상술한 목적들을 달성하기 위하여, 본 발명의 일 측면에 따르면, 적어도 하나의 정상자 샘플 및 적어도 하나의 질환자 샘플을 입력받는 단계, 상기 적어도 하나의 정상자 샘플 및 적어도 하나의 질환자 샘플을 전처리(pre-processing)하는 단계-여기서, 적어도 하나의 특성 데이터가 생성됨- 및 진화적 분류 과정의 수행을 통하여 상기 적어도 하나의 특성 데이터를 바탕으로 적어도 하나의 판단 패턴을 추출하는 단계를 포함하되, 상기 판단 패턴은 적어도 하나의 특징 및 상기 특징에 상응하는 적어도 하나의 판단 함수(decision function)를 포함하며, 상기 적어도 하나의 특징은 유전 알고리즘을 이용하여 상기 특성 데이터를 바탕으로 추출되며, 상기 적어도 하나의 판단 함수는 서포트 벡터 머신(support vector machine, SVM)을 이용하여 상기 적어도 하나의 특징을 바탕으로 생성되며, 상기 판단 패턴을 이용하여 피검자의 질환 여부를 판단할 수 있는 것을 특징으로 하는 진단 방법을 제공할 수 있다.

<20> 이어서, 첨부한 도면들을 참조하여 본 발명의 바람직한 실시예를 상세히 설명하기로 한다.

<21> 본 발명에 따른 진화적 분류 과정 및 퍼지 를 기반 분류 과정의 적용에 의한 질환 확인 방법은 크게 트레이닝(training) 단계 및 테스트(testing) 단계로 나눌 수 있다. 본 발명에 따른 진화적 분류 과정 및 퍼지 를 기반 분류 과정의 적용에 의한 질환 확인 방법은 상기 방법을 수행하기 위한 프로그램이 저장되어 있는 메모리와 상기 메모리에 결합된 프로세서에 의하여 실행될 수 있다. 또한, 디지털 처리 장치에 의하여 실행될 수 있는 명령어들의 프로그램이 유형적으로 구현되어 있으며 디지털 처리 장치에 의하여 판독될 수 있는 기록 매체에 본 발명에 따른 진화적 분류 과정 및 퍼지 를 기반 분류 과정의 적용에 의한 질환 확인 방법에 대한 프로그램이 저장될 수 있다. 또한, 본 발명에 따른 진화적 분류 과정 및 퍼지 를 기반 분류 과정의 적용에 의한 질환 확인 방법, 상기 방법을 실현하기 위한 각각의 모듈들은 ASIC으로 구현될 수 있음은 본 발명이 속하는 기술 분야에서 통상의 지식을 가진 자에게는 자명할 것이다.

<22> 먼저, 트레이닝 단계는 사전에 검증된 데이터, 즉, 환자들의 샘플과 정상인의 샘플을 이용하여, 분류에 필요한 주요한 특징들을 추출하고 이를 토대로 최적의 분류 함수 또는 분류 규칙을 생성해 내는 과정이다. 또한, 테스트 단계는 질병 여부를 확인하고자 하는 피검자로부터 추출한 테스트 샘플을 트레이닝 단계에서 생성한 분류 함수 또는 분류 규칙에 적용하여 그 결과를 확인하는 과정이다. 각 단계에 대해서 도면을 참조하여 상세히 설명하기로 한다.

<23> 도 1은 본 발명의 바람직한 일 실시예에 따른 트레이닝 과정을 개략적으로 나타낸 도면이다.

- <24> 도 1을 참조하면, 정상자 샘플(107)로부터 2D 단백질 이미지와 같은 샘플 데이터, 질환자 샘플(109)로부터 2D 단백질 이미지와 같은 샘플 데이터가 입력된다. 상기 2D 단백질 이미지와 같은 샘플 데이터는 분석에 필요한 의미있는 특징 데이터를 얻기 위하여 전처리(pre-processing) 과정(101)을 거친다. 상기 전처리 과정(101)은 도 2를 참조하여 상세히 설명하기로 한다.
- <25> 추출된 특징 데이터는 진화적 분류(evolutionary classification) 과정(103) 및 퍼지 룰 기반 분류(fuzzy rule-based classification) 과정(105)의 입력 데이터가 된다. 상기 진화적 분류 과정(103)은 상기 추출된 특징 데이터를 이용하여 피검자가 질환자인지 정상인인지의 여부만을 판단할 수 있는 판별 패턴들(111)을 생성하는 과정이다. 상기 진화적 분류 과정(103)에 대해서는 도 3을 참조하여 상세히 설명하기로 한다. 상기 퍼지 룰 기반 분류 과정(105)은 상기 추출된 특징 데이터를 이용하여 경험적 지식, 통계적 방식 등을 활용하여, 보다 정제된 세밀한 분류함으로써 피검자의 상태를 보다 세밀하게 판단할 수 있는 룰 베이스(113)를 생성하는 과정이다. 상기 진화적 분류 과정(103) 및 상기 퍼지 룰 기반 분류 과정(105)은 상호 보완적인 관계에 있다. 상기 퍼지 룰 기반 분류 과정(105)에 대해서 도 4를 참조하여 상세히 설명하기로 한다.
- <26> 도 2는 본 발명의 바람직한 일 실시예에 따른 전처리 과정을 개략적으로 나타낸 도면이다.
- <27> 도 2를 참조하면, 2D 단백질 이미지와 같은 샘플 데이터의 분석에 필요한 의미있는 특징 데이터를 얻기 위한 전처리(pre-processing) 과정(101)은 크게 이미지 처리(image processing) 과정(201) 및 특징 추출(feature extraction) 과정(203)을 포함한다. 상기

이미지 처리 과정(201)에서 2D 단색질 이미지와 같은 샘플 데이터는 노이즈 필터링(noise filtering), 이미지 인핸스먼트(image enhancement), 직교 교차(ortho-projection), 최적 쓰레쉬홀딩(optimal thresholding), 에지 디텍션(edge detection) 등의 기본적인 영상 처리 작업이 수행된다. 이후, 특징 추출 과정(203)에서, 영상 처리된 2D 이미지들로부터 스팟(spot) 형태의 기본적인 특징들이 추출된다. 또한 상기 특징 추출 과정(203)에서, 추출된 각 특징들은 식별화 또는 라벨링(labeling)됨으로써 스팟별 특징 데이터가 생성된다.

<28> 도 3은 본 발명의 바람직한 일 실시예에 따른 진화적 분류 과정을 개략적으로 나타낸 도면이다.

<29> 도 3을 참조하면, 진화적 분류 과정(103)은 크게 유전 알고리즘(genetic algorithm) 적용 과정(301) 및 서포트 벡터 머신(support vector machine, 이하 SVM이라 칭함) 적용 과정(303)을 포함한다. 상기 유전 알고리즘은 최근 널리 이용되는 최적화(optimization) 기법 중에 하나이다. 상술한 전처리 과정에서 추출된 복수의 특징 데이터들 중에서, 분류에 결정적인 역할을 담당할 최적의 특징들이 상기 유전 알고리즘의 적용에 의하여 추출된다. 그리고, 추출된 최적의 특징들은 식별화된다.

<30> 상기 유전 알고리즘 적용 과정(301)을 통하여 생성된, 복수의 최적 특징들은 대안 특징이 될 수 있다. 상기 대안 특징들은 상기 SVM에서 산출되는 판단 함수(decision function)의 분류 오차율에 따라서 적합도가 평가된다. 또한, 적합도 평가 결과에 따라서 다음 세대의 대안 특징들이 생성된다. 이와 같은 진화 방법을 통하여, 최적의 특징 및 그에 따른 판단 함수가 생성될 수 있다. 유전 알고리즘은 최근에 각광받는 최적화 기

법으로, 본 발명에서는 상기 유전 알고리즘을 이용하여 5개 내지 20개 정도의 특징들을 효과적으로 추출할 수 있다.

<31> 상기 진화적 분류 과정(103)의 수행을 통하여 암과 같은 질병의 유무를 용이하고도 효율적으로 진단(diagnosis)할 수 있는 복수개의 특징들이 추출된다. 향후 피검자로부터 채취한 테스트 샘플로부터 추출되는 특징들은 상기 진단을 위한 복수개의 특징들과 비교됨으로써 피검자가 암과 같은 질병에 감염되었는 지의 여부가 판별된다.

<32> 도 4는 본 발명의 바람직한 일 실시예에 따른 퍼지 를 기반 분류 과정을 개략적으로 나타낸 도면이다.

<33> 도 4를 참조하면, 퍼지 를 기반 분류 과정(105)은 크게 퍼지 데이터 맵핑 과정(401) 및 를 기반 분류화 과정(403)을 포함한다. 상기 퍼지 를 기반 분류 과정(105)은 진화적 분류 과정의 부수적인 과정으로 수행될 수 있다. 상기 퍼지 를 기반 분류 과정(105)의 주목적은 진화적 분류 과정에서 간과될 수 있는 가공된 정보들, 예를 들면 특정 스팟간의 상호 관계성 등을 통계적 또는 경험적 방법을 통하여 추출해 냄으로써 보다 상세한 분류 결과를 도출하거나 인식의 정확도를 높이는 데 있다. 퍼지 데이터 맵핑 과정(401)은 직전 단계로부터 입력되는 원시 데이터들 사이의 상호 관계성(correlation)을 산출하고, 산출된 특성들을 통계적 기법에 의하여 분류하며 퍼지 기법을 이용하여 통계적 불확실성을 정량화하는 과정이다. 퍼지 데이터 맵핑 과정(401)이 수행된 후, 가공된 데이터는 를 기반 분류화 과정(403)에서 정리되고 규칙화되어 최종적인 를 베이스화(rule base)된다.

- <34> 상술한 진화적 분류 과정과 달리, 퍼지 를 기반 분류 과정(105)의 수행을 통하여, 암과 같은 질병의 단순한 진단(diagnosis) 또는 판단만이 아니라, 전문가 시스템(expert system)에 의한 통계적 내지 경험적 방법에 의하여 암과 같은 질병의 진행 정도(예를 들어, 중기 또는 말기의 암 진행 상태 등)가 판단될 수 있다. 즉, 상기 퍼지 를 기반 분류 과정(105)의 수행을 통하여, 예후 추적 또는 예후 판단이 가능한 장점이 있다.
- <35> 도 5는 본 발명의 바람직한 일 실시예에 따른 테스트 과정을 개략적으로 나타낸 도면이다.
- <36> 도 5를 참조하면, 피검자의 2D 단백질 이미지와 같은 테스트 샘플(501)이 상술한 전처리 과정(101)의 수행을 통하여 특징이 추출된다. 추출된 특징은 질환 여부 판단 과정(503)의 입력 데이터가 되며, 상기 질환 여부 판단 과정(503)을 통하여 질환의 여부가 판단된다. 질환 여부 판단 과정(503)에 대해서 도 6을 참조하여 상세히 설명하기로 한다.
- <37> 도 6은 본 발명의 바람직한 일 실시예에 따른 질환 여부 판단 과정을 개략적으로 나타낸 도면이다.
- <38> 도 6을 참조하면, 질환 여부 판단 과정(503)은 패턴 매칭(pattern matching) 과정(601) 및 상세 분류 과정(603)을 포함한다. 상기 패턴 매칭 과정(601)은 전처리된 샘플 데이터에, 트레이닝 과정의 진화적 분류 과정에서 생성된 특징들 및 판단 함수(decision)를 적용하여 정상 또는 질환 여부에 대한 분류를 하는 과정이며, 이 때 상기

SVM이 이용된다. 상기 상세 분류 과정(603)은 퍼지 룰 기반 분류 과정에 의하여 생성된 룰 베이스(rule base)에 상기 전처리된 샘플 데이터(즉, 샘플 데이터를 전처리한 후 생성되는 특징값)를 투영함으로써 상세한 분류 결과를 추론하는 과정이다.

<39> 도 7은 본 발명의 바람직한 일 실시예에 따른 진화적 분류 과정 및 퍼지 룰 기반 분류 과정의 적용에 의한 질환 확인 과정을 개략적으로 나타낸 도면이다.

<40> 도 7을 참조하면, 전처리(pre-processing) 과정, 진화적 분류(evolutionary classification) 과정, 퍼지 룰 기반 분류 과정(fuzzy rule-based classification)을 통한 트레이닝(training) 과정 및 상기 전처리(pre-processing) 과정 및 질환 여부 판단(decision maker) 과정을 통한 테스트(testing) 과정이 나타나 있다. 여기서, 실선 화살표는 트레이닝 과정을 표시하고, 점선 화살표는 테스트 과정을 나타낸다. 여기서, 상기 퍼지 룰 기반 분류 과정에서의 특정 변수, 함수 등이 상기 진화적 분류 과정에서의 힌트(hint)가 될 수 있다.

<41> 각각의 과정에 대해서 상술한 바와 같으므로 그 설명을 생략하기로 한다.

<42> 본 발명은 상기 실시예에 한정되지 않으며, 많은 변형이 본 발명의 사상 내에서 당 분야에서 통상의 지식을 가진 자에 의하여 가능함은 물론이다.

【발명의 효과】

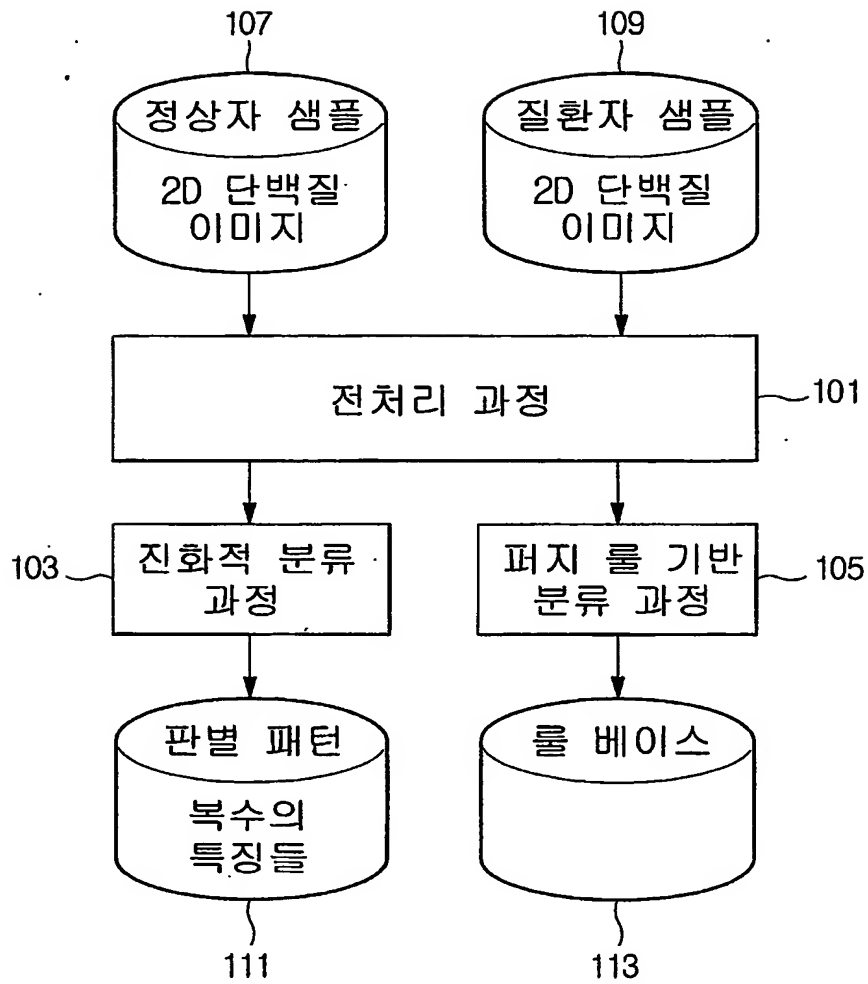
- <43> 본 발명에 따른 진화적 분류 과정 및 퍼지 를 기반 분류 과정의 적용에 의한 질환 확인 방법에 의하여, 혈청 단백질 성분을 표시하는 2D 이미지를 체계적이며 효율적으로 분류할 수 있다.
- <44> 또한, 본 발명에 의하여 암과 같은 질병을 조기에 효율적으로 진단할 수 있다.
- <45> 또한, 본 발명에 의하여 통계적, 경험적 방식이 적용된 퍼지 를 기반 분류 과정을 도입함으로써, 세밀한 진단 결과를 도출할 수 있다.
- <46> 또한, 본 발명에 의하여 질병의 진행 정도 등을 정확히 판단할 수 있으며, 질병의 예후 추적 또는 예후 판단이 가능해 진다.
- <47> 또한, 본 발명에 의하여, SVM을 효율적으로 적용하기 위하여 유전 알고리즘을 이용하여 특징을 추출하며, 추출된 특징을 SVM에 적용하는 방법이 제시됨으로써 다양한 SVM의 응용 분야에 적용될 수 있다.

【특허청구범위】**【청구항 1】**

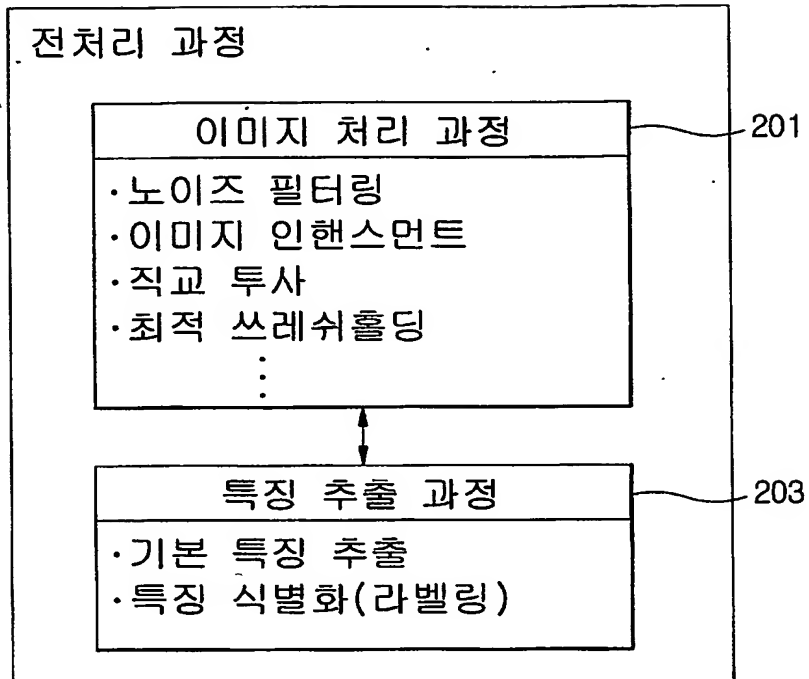
적어도 하나의 정상자 샘플 및 적어도 하나의 질환자 샘플을 입력받는 단계;
상기 적어도 하나의 정상자 샘플 및 적어도 하나의 질환자 샘플을 전처리
(pre-processing)하는 단계-여기서, 적어도 하나의 특성 데이터가 생성됨-; 및
진화적 분류 과정의 수행을 통하여 상기 적어도 하나의 특성 데이터를 바탕으로 적
어도 하나의 판단 패턴을 추출하는 단계
를 포함하되,
상기 판단 패턴은 적어도 하나의 특징 및 상기 특징에 상응하는 적어도 하나의 판
단 함수(decision function)를 포함하며, 상기 적어도 하나의 특징은 유전 알고리즘을
이용하여 상기 특성 데이터를 바탕으로 추출되며, 상기 적어도 하나의 판단 함수는 서포
트 벡터 머신(support vector machine, SVM)을 이용하여 상기 적어도 하나의 특징을 바
탕으로 생성되며, 상기 판단 패턴을 이용하여 피검자의 질환 여부를 판단할 수 있는 것
을 특징으로 하는 진단 방법.

【도면】

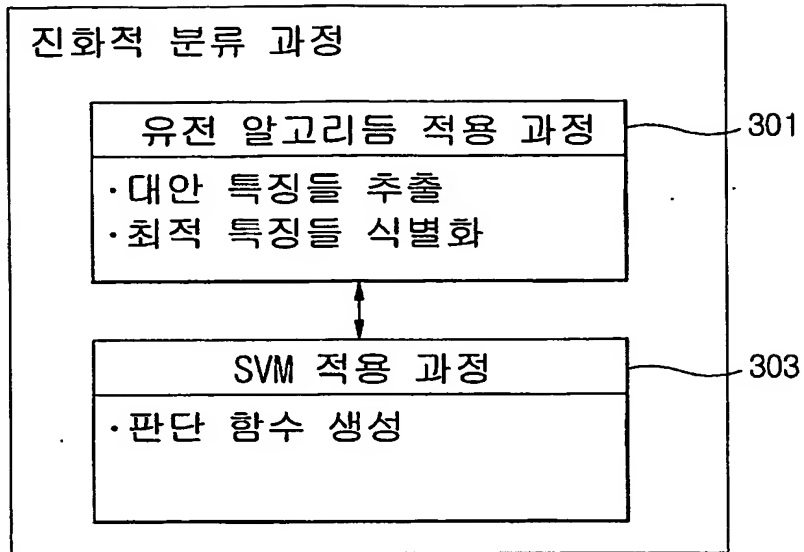
【도 1】



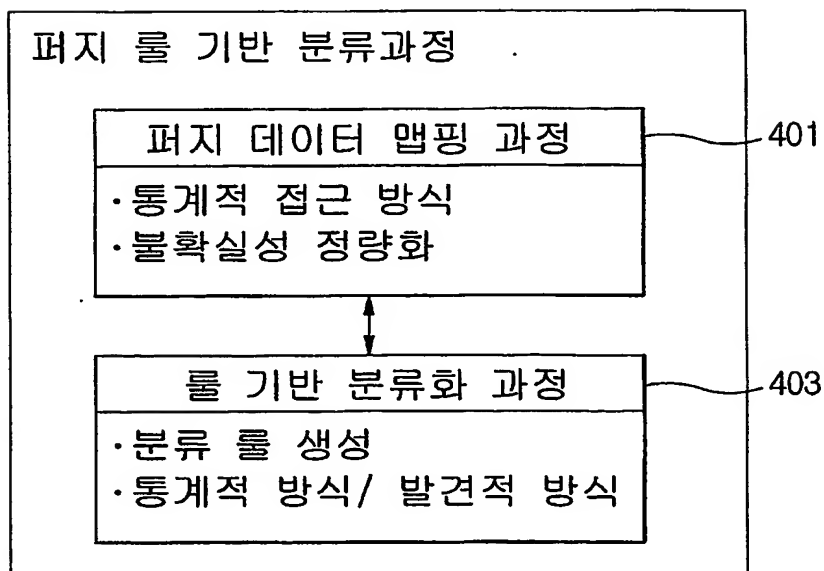
【도 2】

101

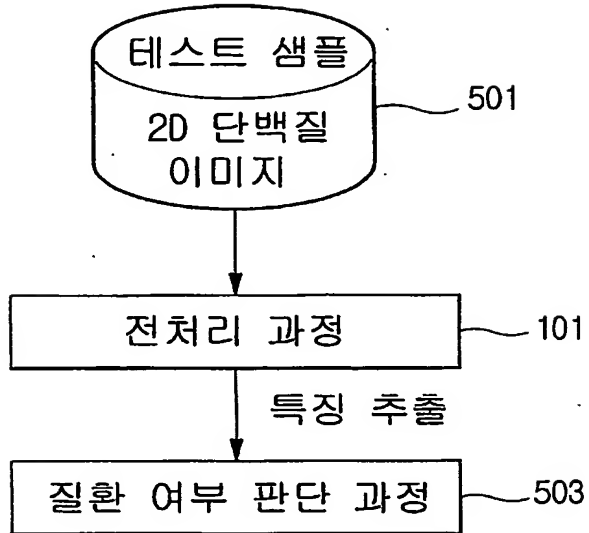
【도 3】

103

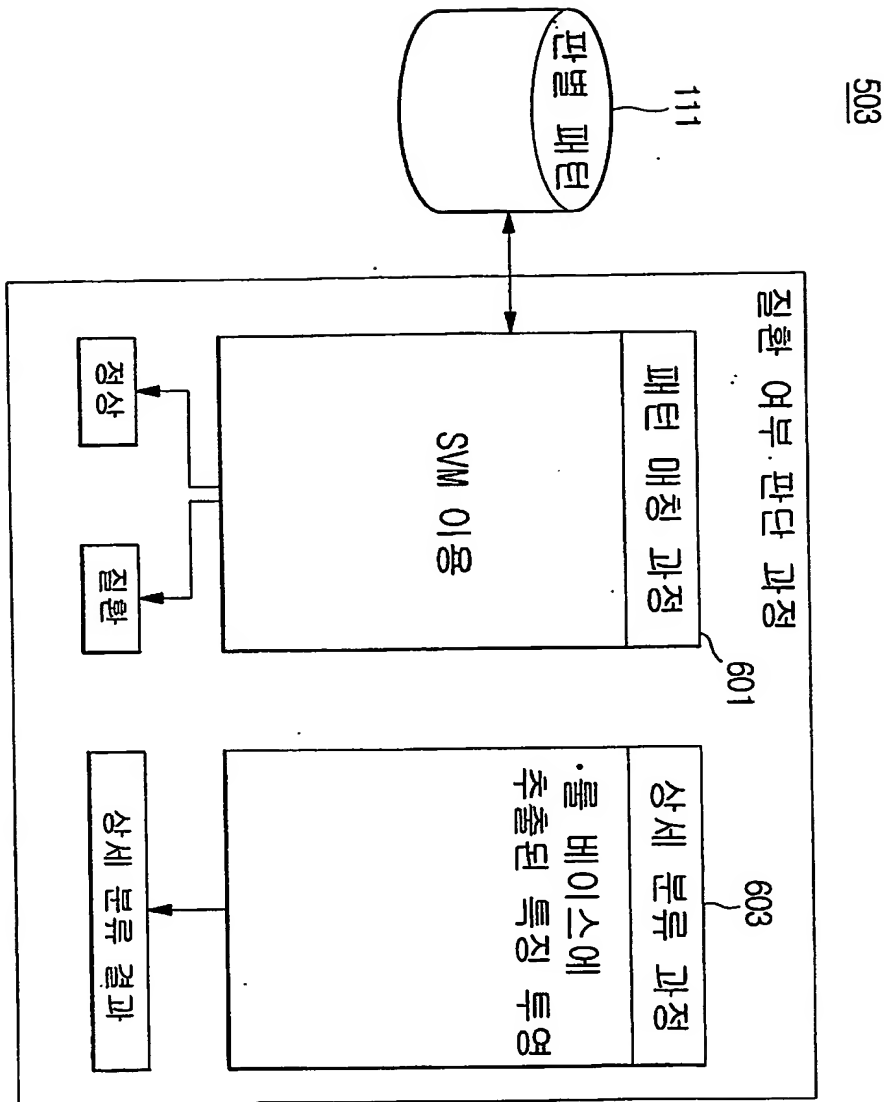
【도 4】

105

【도 5】



【도 6】



【도 7】

